

Blast 2 Sequences results

Entre:

ez Bl

OMIM

Taxonomy

Structure

BLAST 2 SEQUENCES RESULTS VERSION BLASTP 2.2.5 [Nov-16-2002]

Matrix BLOSUM62

gap open: 11 gap extension: 1

x_dropoff: 50 expect: 10.00 wordsize: 3 Filter Align

Sequence 1 gi 3702836 hASIC3 [Homo sapiens] Length 531 Sequence 2 gi 13592019 P2X3 [Rattus norvegicus] Length 397 No significant similarity was found

Align two sequences

Tue Apr 15 17:04:02 BST 2003

/usr/tmp/seq1.214485.sca : 397 aa >gi 13592019 ref NP_112337.1 P2X3 [Rattus norve 397 aa vs. >gi 3702836 gb AAC62935.1 hASIC3 [Homo sapiens], 531 aa scoring matrix: , gap penalties: -12/-2 15.7% identity; Global alignment score: -167							
		10	20	0	30	40	
/usr/t	MNCIS	DFFTYETTK	SVVVK	SWTIG	SIINRAVQLL	IISYFVGW	
gi 370	MKPTSGPEEARR	OPSDIRVFASNO	:. SMHGT.GHVFG	 PGST.ST.RRG	. :: :	· ···	
				40	50	60	
*		50	60		70		
/usr/t	VFLH	EKAYQVRDT	AIESSVVTKV	KGFGR	YANR	VMDVS	
	. ::	. : . :		:			
g1 3/0	AERVRYYREFHH						
	70	80	90	100	110	120	
	80	90	100	110	120	130	
/usr/t	DYVTP	PQGTSVFVIITK	I IVTENOMOG	FCPENEEKY	(RCVSDSO-C	GPERFPGG	
		: . :.					
g11370	EHAAFLRALGRP	PAPPG-FMPSPT: 140	FDMAQLYARA 150	GHSLDDMLI		GPENFTTI	
	150	140	130	160	170		
	140			150			
/usr/t	GILTGRCVNYSS	VLRTC-		-EIOG	WC	PTEVD	
	GILTGRCVNYSS:.::	.: :		-EIQG	•		
gi 370	GILTGRCVNYSS :.:: FTRMGKCYTFNS	.: : GADGAELLTTTR	 GGMGNGLDIM	-EIQG LDVQQEEYI	: LPVWRDNEET		
gi 370	GILTGRCVNYSS :.:: FTRMGKCYTFNS	.: : GADGAELLTTTR 200	GGMGNGLDIM 210	-EIQG LDVQQEEYI 220	: LPVWRDNEET 230		
gi 370 1	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190	GADGAELLTTTR	GGMGNGLDIM 210	-EIQG LDVQQEEYI 220	: LPVWRDNEET 230	: :: PFEVGIRV	
gi 370 1	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME	.: : GADGAELLTTTR 200 170AENFTI	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNI	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNI	200	
gi 370 1 /usr/t	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .::	GADGAELLTTTR 200 170AENFTI	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNH	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL	: :: PFEVGIRV 200 TDKDIKRC	
gi 370 1 /usr/t gi 370	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNH : : . FLPPPWGDG	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL::: CSSASLNPNY	: :: PFEVGIRV 200 TDKDIKRC	
gi 370 1 /usr/t gi 370	GILTGRCVNYSS .:: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR :	-EIQG LDVQQEEYI 220 FPLFNI : : . FLPPPWGDC 280	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL	: :: PFEVGIRV 200 TDKDIKRC	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME ::: QIHSQEEPPIID 40 250	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR :	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNI : : . FLPPPWGDC 280	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL ::: CSSASLNPNY 290	200 TDKDIKRC -EPEPSDP	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME ::: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI ::::	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260 220 LRVGDVVKFAGQ	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR :	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNH : : . FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGW-	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA	200 TDKDIKRC -EPEPSDP	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t gi 370	GILTGRCVNYSS .:: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260 220 LRVGDVVKFAGQ .: .: TLMGCRLACE	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR :	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNI : : . FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGW CCRMVYMPGI	: PVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA DVPVCS-PQQ	200 TDKDIKRC -EPEPSDP	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t gi 370	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI .::: LGSPSPSPSPSPY 300 310	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260 220 LRVGDVVKFAGQ .:: TLMGCRLACE	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR : FVSCQQQQLS 270 230 DFAKLARTGG .:: : T-RYVARKCG 33	FPLFNE: FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGWCRMVYMPGIO	: PVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA DVPVCS-PQQ	200 CTOKDIKRCEPEPSDP 260 CWDQCIPKY: PYKNC	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t gi 370	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI :::: LGSPSPSPSPSPY 300 310 270 SFTRLDGVSEKS	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI QLGLGVSPGYQT 260 220 LRVGDVVKFAGQ .: .: .: TLMGCRLACE 320 280 SVSPGYNFR	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR : FVSCQQQQLS 270 230 DFAKLARTGG .:: : T-RYVARKCG 33 2 FAKYYKM	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNI : : . FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGW CCRMVYMPGI 0 3 90 ENGSEYRTI	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNL:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA ::. DVPVCS-PQC	200 TDKDIKRC EPEPSDP 260 WDQCIPKY : 2YKNC	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t gi 370 /usr/t	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI :::: LGSPSPSPSPSPY 300 310 270 SFTRLDGVSEKS .::	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI 260 220 LRVGDVVKFAGQ .: .: .: TLMGCRLACE 320 280 SVSPGYNFR : . : . :	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR : FVSCQQQQLS 270 230 DFAKLARTGG .:: : T-RYVARKCG 33 2 FAKYYKM	FPLFNE: FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGW- CCRMVYMPGI 0 90 ENGSEYRTI	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNI:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA :: DVPVCS-PQC	200 TDKDIKRCEPEPSDP 260 WDQCIPKY: PYKNC 350 300	
gi 370 1 /usr/t gi 370 2 /usr/t gi 370 /usr/t	GILTGRCVNYSS :::: FTRMGKCYTFNS 80 190 160TVEMPIMME .:: QIHSQEEPPIID 40 250 210 RFHPEKAPFCPI :::: LGSPSPSPSPSPY 300 310 270 SFTRLDGVSEKS	GADGAELLTTTR 200 170 AENFTI 260 220 LRVGDVVKFAGQ .: .: .: TLMGCRLACE 320 280 SVSPGYNFR : . : . :	GGMGNGLDIM 210 180 FIKNSIR : FVSCQQQQLS 270 230 DFAKLARTGG .:: : T-RYVARKCG 33 2 FAKYYKM	-EIQG: LDVQQEEYI 220 FPLFNH: FLPPPWGDC 280 240 VLGIKIGW- CCRMVYMPGI 0 90 ENGSEYRTI :	: LPVWRDNEET 230 190 FEKGNLLPNI:: CSSASLNPNY 290 250VCDLDKA :: DVPVCS-PQC	200 TDKDIKRCEPEPSDP 260 WDQCIPKY: PYKNC 350 300	

Sequence Alignment Output

4/15/03 12:05 PM

310 .320 330 340 /usr/t FGIRFDVLVYGNAGK-----FNIIPTIISSVAAFTSVGVGTVL-----CDII---LLN
. : ... : ... : ... : ... : ... : ... gil370 LDIFFEALNYETVEQKKAYEMSELLGDIGGQMGLFIGASLLTILEILDYLCEVFRDKVLG 420 430 440 450 470 350 370 380 390 /usr/t FLKGADHYKARKFEEVTETTLKGTASTN-----PVFASDQATVEKQSTDSG--AYSIG E BROWN I RAKKE BEVIETI BROITASIN -----EVERADURI VERUSI DOG -- RISIG gil370 YFWNRQHSQRHSSTNLLQEGL-GSHRTQVPHLSLGPRPPTPPCAVTKTLSASHRTCYLVT 480 490 500 510

/usr/t H-

gi|370 QL 530

Elapsed time: 0:00:00

Blast Regult

4/15/03 11:45 AM



Blast 2 Sequenc s results

Entrez

BLAST

OMIM

Taxonomy

Structure

BLAST 2 SEQUENCES RESULTS VERSION BLASTP 2.2.5 [Nov-16-2002]

Matrix BLOSUM62 ♦ gap open: 11 gap extension: 1

x_dropoff: 50 expect: 10.00 wordsize: 3 Filter Align

Sequence 1 gi 3702836 proton-gated cation channel subunit [Homo sapiens] Length 531

Sequence 2 gi 12643353 P2X purinoceptor 2 (ATP receptor) (P2X2) (Purinergic receptor) Length 471

N significant similarity was found

Align two sequences

Tue Apr 15 18:49:23 BST 2003

/usr/tmp/seq1.215975.sca : 472 aa >gi 1352688 sp P49653 P2X2_RAT_P2X_purinoceptor 2							
/ner/t	M		10 VRRLARGC-) ,	20	30	40
	:		.: .: .:		:: :		
gi 370	MKPTSG	PEEARRQPS	DIRVFASNCSI 20	MHGLGHVFG	SPGSLSLR-F 40	RGMWAAAVV 50	LSVATFLYQ
		50	60				,
/usr/t	V	-WYVFIVQK	SYQDSETG	PESSI	70 -ITKVKGITN	80 ISEDKV-WD	VEEYVKP
	:	. : :	:.	:	:	:	
911370	VAERVR	70	ALDERESHRL' 80	VFPAVTLCN 90	INPLRRSRI 100	TPNDLHWA 110	GSALLGLDP
c	90	100	110	100			
_	-		110 TPSQTLGTCP			140 GOLDMOGN	GTRTGHCVP
	:	: .	:. <i>.</i>		. :: :: .	:: .	
g1(3/0 12	AEHAAF: 20	LRALGRPPA 130	APPGFMPSPTF		AGHSLDDML- 160	LDCR	-FRGQPCGP
			•	130			170
	O YYHGDS	160 KTCEVSAWO	170 PVEDGTSDNH	1 FIC	L80	190	200
,, -					MAPRE LLL.	IKNSIHI	PKEKESKUN
	•	. :		: :	: :.		· ·
gi 370	ENFT	TIFTRMGKO	YTFNSGADGA	: ELLTTTRGG	: :. GMGNGLDIMI	DVQQEEYL	· ·
gi 370	ENFT	. :		: ELLTTTRGG	: :. GMGNGLDIMI		· ·
	ENFT	. : TIFTRMGKO 180	YTFNSGADGA 190 220	: : ELLTTTRGG 200 230	: :. GMGNGLDIMI 210 240	DVQQEEYL 220 250	: : PVWRDN
	ENFT	. : TIFTRMGKO 180 10 DYLKHCTFI	YTFNSGADGA 190 220 QDSDPYCPIF	: : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA	::. GMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI	DVQQEEYL 220 250 KGGVIGVI	: : PVWRDN 260 INWNCDLDL
/usr/t gi 370	ENFT IASQKS EETPFE	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI	YTFNSGADGA 190 220	: : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA	:: SMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI	DOUQQEEYL 220 250 HKGGVIGVI	: : PVWRDN 260 INWNCDLDL
/usr/t gi 370	ENFT 2 IASQKS EETPFE 230	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240	CYTFNSGADGA 190 220 PQDSDPYCPIF :::: SQEEPPIID 250	: : : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKI .:: : . QLGLGVSPC 260	EMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI CYQTFVSCQO	250 250 HKGGVIGVI	: : PVWRDN 260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280
/usr/t gi 370	ENF-T 22 IASQKS EETPFE 230 23 SESECN	TIFTRMGKO 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLI	220 220 220 20DSDPYCPIF 3250 280 280 2PKYDPASSGY	: : : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .:: : . QLGLGVSPG 260 290 NFRFAKYY	EMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI ESYQTFVSCQQ 300 KINGTT	DOVOQEEYL 220 250 HKGGVIGVI DOQUESF-LP	: : PVWRDN 260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280
/usr/t gi 370 /usr/t	ENFT 2 IASQKS EETPFE 230 2 SESECN : : :	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLL	CYTFNSGADGA 190 220 PODSDPYCPIF SQEEPPIID 250 280 PKYDPASSGY : .: :	: : : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .:: : . QLGLGVSPG 260 290 NFRFAKYYI	EMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI ESYQTFVSCQQ 300 KINGTT	250 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP	PVWRDN 260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH
/usr/t gi 370 /usr/t	ENF-T 2 IASQKS EETPFE 230 2 SESECN	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLL	ZYTFNSGADGA 190 220 PQDSDPYCPIF :::: SQEEPPIID 250 280 PKYDPASSGY :::: PPLGSPSPSP-	: : : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .:: : . QLGLGVSPG 260 290 NFRFAKYYI	GMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI GYQTFVSCQQ 300 KINGTTT	DOVQQEEYL 220 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP 00 310 TTRTLIKAY ::	260 INWNCDLDL : : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH : : : . GCRM-VYMP
/usr/t gi 370 /usr/t gi 370	ENFT IASQKS EETPFE 230 SESECN SSASLN 200	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLI :.: PNYEPEPSI 90	220 220 220 220 220 250 250 280 280 280 290 290 291 200 291 200 200 200 200 200 200 200 200 200 20	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	SMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI SYQTFVSCQQ 300 KINGTTT 11 320 360	250 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP 70 310 FTRTLIKAY :: ETRYVARKC	260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH : : : : GCRM-VYMP 30
/usr/t gi 370 /usr/t gi 370	ENF-T IASQKS EETPFE 230 2 SESECN : . : SSASLN 2 0 GQAGKF	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLI :.: .: PNYEPEPSI 90 330 SLIPTIINI	CYTFNSGADGA 190 220 220 220 20DSDPYCPIF 350 280 280 280 280 280 280 280 2	: : : ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .: :	SMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI SYQTFVSCQQ 300 KINGTTT 11 320 360	250 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP 70 310 FTRTLIKAY :: ETRYVARKC	260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH : : : : GCRM-VYMP 30
/usr/t gi 370 /usr/t gi 370 32 /usr/t	ENFT IASQKS EETPFE 230 SESECN SSASLN 20 GQAGKF	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLI :.: .: PNYEPEPSI 90 330 SLIPTIINI	ZYTFNSGADGA 190 220 220 220 250 280 280 280 28	ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .::.: QLGLGVSPG 260 290 NFRFAKYYE .: 310 350 GSFLCDWII	SYQTFVSCQQ 300 KINGTT: 320 KINGTT: 320 360 LLTFMNKNK	250 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP 70 310 FTRTLIKAY ETRYVARKC) 3 37 LYSHKKFDK	260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH : : : . GCRM-VYMP 30 0 VRTPKHPSS
/usr/t gi 370 /usr/t gi 370 32 /usr/t	ENFT IASQKS EETPFE 230 SESECN SSASLN 20 GQAGKF	TIFTRMGKC 180 10 DYLKHCTFI VGIRVQIHS 240 70 PKYSFRRLI :.: .: PNYEPEPSI 90 330 SLIPTIINI	CYTFNSGADGA 190 220 220 220 20DSDPYCPIF 350 280 280 280 280 280 280 280 2	ELLTTTRGG 200 230 RLGFIVEKA .::.: QLGLGVSPG 260 290 NFRFAKYYE .: 310 350 GSFLCDWII	SMGNGLDIMI 210 240 AGENFTELAI SYQTFVSCQQ 300 KINGTTT 11 SILMGCRLACI 320 LLTFMNKNKI	250 250 HKGGVIGVI QQQLSF-LP 70 310 FTRTLIKAY ETRYVARKC) 3 37 LYSHKKFDK	260 INWNCDLDL : : PPWGDC 280 GIRIDVIVH : : : . GCRM-VYMP 30 0 VRTPKHPSS

4/15/03 1:50 PM

•	380	390	400	410		420
/usr/t	RWPVTL	ALVLGQI	PPPPSHYSQDQ	PPSPPSGE-	GPTLGE	GAEL
•						
gi 370	RFLARKLNRSEAYI	AENVLALDIF!	FEALNYETVEQ	KKAYEMSEL	LGDIGGQMGI	FIGASL
	400	410	420	430	440	450
430				440	4	150
/usr/t	PLAVQS-PRPCSI-		SALTE	QVVDTLGQH	M	SQRPPVP
	••			::::		:::::
gi 370	LTILEILDYLCEVF	RDKVLGYFWN:	RQHSQRHSSTN	ILLQEGLGSH	RTQVPHLSLO	SPRPPTP
	460	470	480	490	500	510
	460	470				
/usr/t	EPSQQDSTSTDPKG	LAQL				
		::				
gi 370	PCAVTKTLSASHRT	CYLVTQL				
-	520	530				
Elapse	d time: 0:00:0	0				